

MAIL STOP PATENT APPLICATION
Attorney Docket No. 26099

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

In re Application of:

SAN GABRIEL, et al.

Serial No.: Not yet assigned

Filed: April 21, 2004

Title: **NOVEL GLUTAMIC ACID RECEPTOR AND UTILIZATION THEREOF**

(Continuation of International Application No. PCT/JP02/10984,
having an International Filing Date of October 23, 2002.)

REQUEST FOR PRIORITY UNDER 35 U.S.C. §119

Commissioner of Patents
Alexandria, Virginia 22313-1450

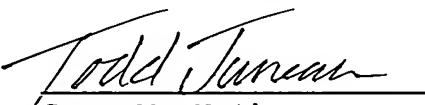
Sir:

In the matter of the above-captioned application, notice is
hereby given that the Applicant claims as priority date October 23,
2001, the filing date of the corresponding application filed in
JAPAN, bearing Application Number 2001-325159.

A Certified Copy of the corresponding application is submitted
herewith.

Respectfully submitted,
NATH & ASSOCIATES PLLC

Date: April 21, 2004

By: 
Gary M. Nath
Registration No. 26,965
Todd L. Juneau
Registration No. 40,669
Customer No. 20529

NATH & ASSOCIATES PLLC

6th Floor
1030 15th Street, N.W.
Washington, D.C. 20005
(202)-775-8383
GMN/TLJ/lsc:Priority.req

日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日 2001年10月23日
Date of Application:

出願番号 特願2001-325159
Application Number:

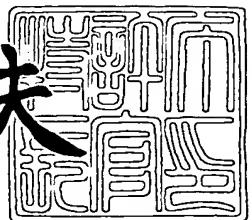
[ST. 10/C] : [JP2001-325159]

出願人 味の素株式会社
Applicant(s):

2004年3月4日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今井康夫





【書類名】 特許願
【整理番号】 P-9163
【提出日】 平成13年10月23日
【あて先】 特許庁長官殿
【国際特許分類】 C07K 14/705
【発明の名称】 新規グルタミン酸受容体とその利用
【請求項の数】 16
【発明者】
【住所又は居所】 神奈川県川崎市川崎区鈴木町 1-1 味の素株式会社中央
研究所内
【氏名】 アナ サン ガブリエル
【発明者】
【住所又は居所】 神奈川県川崎市川崎区鈴木町 1-1 味の素株式会社中央
研究所内
【氏名】 前川 誉実
【発明者】
【住所又は居所】 神奈川県川崎市川崎区鈴木町 1-1 味の素株式会社中央
研究所内
【氏名】 畠山 寿之
【発明者】
【住所又は居所】 神奈川県川崎市川崎区鈴木町 1-1 味の素株式会社中央
研究所内
【氏名】 鳥居 邦夫
【特許出願人】
【識別番号】 000000066
【氏名又は名称】 味の素株式会社

【代理人】

【識別番号】 100089244

【弁理士】

【氏名又は名称】 遠山 勉

【選任した代理人】

【識別番号】 100090516

【弁理士】

【氏名又は名称】 松倉 秀実

【選任した代理人】

【識別番号】 100100549

【弁理士】

【氏名又は名称】 川口 嘉之

【連絡先】 03-3669-6571

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 012092

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規グルタミン酸受容体とその利用

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 下記性質を有するグルタミン酸受容体タンパク質：

(A) タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質と共に膜貫通ドメイン及び細胞内ドメインを有する、

(B) タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質よりも約316又は327アミノ酸残基短い細胞外ドメインを有する、

【請求項 2】 ラットの小腸及び大腸において発現していることを特徴とする請求項1記載のグルタミン酸受容体タンパク質。

【請求項 3】 配列番号7に示すアミノ酸配列又は同アミノ酸配列においてアミノ酸番号12～584で表されるアミノ酸配列を有する請求項1記載のグルタミン酸受容体タンパク質。

【請求項 4】 1又は複数のアミノ酸残基の置換、欠失、挿入又は付加を含み、かつ、グルタミン酸が結合することによってセカンドメッセンジャーを発生し得る請求項3記載のグルタミン酸受容体タンパク質。

【請求項 5】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質をコードし、かつ、タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質を発現しないDNA。

【請求項 6】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質をコードするDNAを発現可能な形態で保持する細胞。

【請求項 7】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質をコードするDNAを発現可能な形態で保持する細胞を培地で培養し、同グルタミン酸受容体タンパク質を生成させることを特徴とする、グルタミン酸受容体タンパク質又はそれを保持する細胞の製造法。

【請求項 8】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質と同タンパク質に結合する物質とを被検物質の存在下で反応させ、該反応の阻害又は促進を検出することを特徴とする、グルタミン酸のアゴニストもししくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターの探索方法。

【請求項9】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質と被検物質とを反応させ、該反応を検出することを特徴とする、グルタミン酸のアゴニストの探索方法。

【請求項10】 前記グルタミン酸受容体タンパク質を、請求項6記載の細胞又は同細胞から調製される膜画分を用いる請求項8記載の方法。

【請求項11】 前記結合の阻害又は促進を、グルタミン酸受容体タンパク質が発生するセカンドメッセンジャーにより検出する請求項10記載の方法。

【請求項12】 前記グルタミン酸受容体タンパク質を、請求項6記載の細胞又は同細胞から調製される膜画分を用いる請求項9記載の方法。

【請求項13】 前記結合の阻害又は促進を、グルタミン酸受容体タンパク質が発生するセカンドメッセンジャーにより検出する請求項12記載の方法。

【請求項14】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質に特異的に結合する抗体。

【請求項15】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質と同タンパク質に結合する物質とを被検物質の存在下で反応させ、該反応の阻害又は促進を検出することにより、グルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターを探索する工程と、

前記ステップにより得られるグルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターを有効成分として医薬組成物を調製する工程を含む、

グルタミン酸受容体にグルタミン酸が結合することにより発生するセカンドメッセンジャーを調節するための医薬の製造方法。

【請求項16】 請求項1～4のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質と被検物質とを反応させ、該反応を検出することにより、グルタミン酸のアゴニストを探索する工程と、

前記ステップにより得られるグルタミン酸のアゴニストを有効成分として医薬組成物を調製する工程を含む、

グルタミン酸受容体にグルタミン酸が結合することにより発生するセカンドメッセンジャーを調節するための医薬の製造方法。

【発明の詳細な説明】**【0001】****【発明の属する技術分野】**

本発明は、新規グルタミン酸受容体とその利用に関し、詳しくは、グルタミン酸受容体とそれをコードするDNA、ならびにそれらを利用して同受容体に結合するリガンドをスクリーニングする方法、及び受容体結合試験等に関する。

【0002】**【従来の技術】**

グルタミン酸は、中枢神経系において主要な興奮性神経伝達物質であり、その制御異常は、記憶障害、虚血性脳障害、筋萎縮性側索硬化症(ALS)、パーキンソン氏病、及びハンチントン舞蹈病等の進行性脳障害などの病態形成に寄与していると広く考えられている(Meldrum, B.S., Neurology, 1994 Nov;44 (11 Suppl 8):S14-23; Nishizawa, Y., Life Sci. 2001, Jun 15;69(4):369-81)。そのため、グルタミン酸受容体に関する多くの研究が脳神経系を通じてこれまでなされ、多くの受容体(イオン型受容体3種類、代謝型受容体8種類)が中枢神経系で発見され、上記疾患に対する治療薬の開発を目指して、今日もその受容体特異的な作用薬の開発が精力的になされている(詳しくはBarnard, E.A., Trends Pharmacol. Sci., 1997, May;18(5):141-8; Schoepp, D.D., Conn, P.J., Trends Pharmacol. Sci. 1993 Jan;14(1):13-20を参照)。

【0003】

一方、中枢神経系以外でのグルタミン酸受容体に関する研究は少ない。グルタミン酸は、体内のエネルギー源、不要となったアンモニアのトラップ源としての役割も兼ねており、血漿中に常に数十マイクロモルオーダー以上存在することが知られている。中枢神経系においては、血液脳関門の存在により、細胞外グルタミン酸濃度はナノモル以下である。そのため、上記中枢神経系で発見されたグルタミン酸受容体のグルタミン酸に対する親和性は、ナノモルオーダーからマイクロモルオーダーであり、グルタミン酸が神経終末より放出された時にのみ、作用することができる。尚且つ、グルタミン酸受容体は不活性化あるいはタキフィラキシーを起こしやすいため、中枢神経系においてはグリア細胞が特異的トランス

ポーターを介して常にグルタミン酸を取りこんで、細胞外濃度を下げている。一方、血液脳関門で守られない中枢神経系以外の場所では、仮にそのようなグルタミン酸受容体が発現していても、常にグルタミン酸受容体が刺激されている状態となり、実際には不活化されており機能していないものと考えられていた。

【0004】

しかし、2001年、Chaudhari, N., Landin, A.M., Roper, S.D.らは、ラット味蕾細胞から、うま味受容体として低親和性グルタミン酸受容体を発見した（Nat. Neurosci. 2000, Feb;3(2):113-9）。このうま味受容体は、ラット脳型代謝型グルタミン酸受容体のサブタイプであるタイプ4型（mGluR4）（Tanabe, Y. et al., Neuron, 1992, Jan;8(1):169-79; Flor, P.J. et al., Neuropharmacology, 1995, Feb;34(2):149-55）とホスト遺伝子を同じとし、スプライシング変異により、脳型mGluR4の細胞外ドメインを一部欠損した味蕾型mGluR4であった。

【0005】

今日我々は、末梢性グルタミン酸受容体の生理機能を示唆する幾つかの知見を有している（Berk, M., Plein, H., Ferreira, D., Clin. Neuropharmacol., 2001, May-Jun;24(3):129-32; Karim, F., J. Neurosci. 2001, Jun 1;21(11):3771-9; Berk, M., Plein, H., Belsham, B., Life Sci. 2000;66(25):2427-32; Carlton, S.M., Coggeshall, R.E., Brain Res. 1999, Feb 27;820(1-2):63-70; Haxhiu, M.A., Erokwu, B., Dreshaj, I.A., J. Auton. Nerv. Syst. 1997, Dec 11;67(3):192-9; Inagaki, N., FASEB J. 1995, May;9(8):686-91; Erdo, S.L., Trends Pharmacol. Sci., 1991, Nov;12(11):426-9; Aas, P., Tanso, R., Fonnum, F., Eur. J. Pharmacol. 1989, May 2;164(1):93-102; Said, S.I., Dey, R.D., Dickman, K., Trends Pharmacol. Sci. 2001, Jul;22(7):344-5; Skerry, T.M., Genever, P.G., Trends Pharmacol. Sci. 2001, Apr;22(4):174-81）。

【0006】

ところで、ヒトを含めた哺乳動物が正常に成長（growth）し、正常な生活（健康）を維持するためには、必要な時期に必要な量の栄養素を経口より摂取し、不必要なものは排泄する必要がある。それを実際に行っているのが、口腔、胃、小腸、大腸からなる一本の管である消化管であり、消化吸収プロセスは腸管内在神

経叢と外在脳神経系により管理されている。必要な栄養素の摂取判断は、意識に上る経路（味覚）と、意識に上らない自律的な経路（内臓感覚）の脳内における統合により行われる。塩味（ナトリウム、カリウムなど）はミネラルのマーカーとして体液浸透圧の保持等に、甘味（グルコース）は炭水化物のマーカーとしてエネルギー補給に、うま味（グルタミン酸ナトリウム）はタンパク質源のマーカーとしてエネルギー・体蛋白補給、苦味は有害物質のマーカーとしての意味があると考えられている。即ち、味を頼りに、必要な栄養素は摂取される。そして、必要量を十分摂取したかどうかは、胃および小腸、及び肝臓一門脈系に存在する栄養素センサーを介して迷走神経求心路を活性化し、延髄孤束核へ入力され一連の脳内プロセスを得ることによって、満足感（satiety）として判断される（Bray, G.A., Proc. Nutr. Soc., 2000;59:373-84; Bray, G.A., Med. Clin. North. Am. 1989;73:29）。そして、迷走神経遠心路を通じて、消化吸收調節（消化酵素分泌、消化管運動など）が行われると考えられているが、その詳細なメカニズムは不明である。そして、最終的に満足感が得られると、摂食行動は終了する。万が一、生体にとって有害なもの（毒物）を摂取した場合は、液性および神経性応答を介して、嘔吐、下痢により体外へ排出すると考えられているが、その場合も不明な点が多い。

【0007】

一方、消化管における栄養素認識（chemical sense）機構に関する生理学的検討は古くから行われており、消化管内には内容物を知覚するセンサーが存在すると想定されている（詳しくは、Mei, N., J. Auton. Nerv. Syst., 1983;9:199-206; Mei, N., Lucchini, S., J. Auton. Nerv. Syst., 1992;41:15-8を参照）。これら消化管センサーとしては、グルコースセンサー（Mei, N., J. Physiol. (Lond.) 1978, 282, 485-506）、温度センサー（El Ouazzani, T., Mei, N., Exp. Brain Res. 1979;15;34:419-34）、浸透圧センサー（Mei, N., Garnier, L., J. Auton. Nerv. Syst., 1986;16:159-70）、pHセンサー、アミノ酸センサー（Mei, N., Physiol. Rev., 1985;65:211-37）、圧センサー（Barber, W.D., Burks, T.F., Gastroenterol Clin. North. Am. 1987;16:521-4）が挙げられる。

【0008】

特に、グルタミン酸を認識するセンサーとしては、新島らが、主として胃、小腸を支配している迷走神経胃枝及び腹腔枝の神経活動を電気的に捉える手法を用いて、グルタミン酸の消化管内投与時に神経興奮が起こることを見出し、迷走神経終末にグルタミン酸認識機構が存在すると仮定し、グルタミン酸センサーとしてその存在を示唆した (Niijima, A., *Physiol. Behav.*, 1991;49:1025-8)。

【0009】

【発明が解決しようとする課題】

上述のように、グルタミン酸受容体及び消化管センサーについて多くの研究がなされているが、今まで、グルタミン酸センサーの実体は不明であり、研究の進展は見られていない。グルタミン酸センサーを含んだ消化管粘膜上における栄養素認識に必要な受容機構（受容体、トランスポーター等）が単離されていないことが、この分野の研究の進展を妨げている。本発明者らは、グルタミン酸消化管センサーの実体が解明されれば、下記に挙げる栄養素認識機構の調節を目的とした薬剤等の開発が可能であると考えた。

【0010】

即ち、栄養素認識機構は、満足感 (satiety) あるいは飽きにも重要な役割を果たし、過食による体調不全、および偏食による摂取栄養素の偏りを是正する。この消化管における栄養素認識が正常に行われなくなると、当然ながら、消化吸収の全体のプロセスが乱れ、過食、偏食、食欲不振、消化不良、下痢、便秘等が引き起こされることが考えられる。より医学的には、心因性過食症、拒食症及び肥満症、胃酸分泌異常、消化管血流異常、消化酵素分泌異常等による消化性潰瘍（胃潰瘍、十二指腸潰瘍）、ストレス性潰瘍、薬物性（NSAIDs等）急性潰瘍、虚血性潰瘍（虚血性大腸炎）、インシュリン分泌異常又は消化管ホルモン分泌異常による糖尿病、運動性機能異常による胃もたれ、むかつき、便秘、下痢、過敏性腸症候群などの要因として考えられる。

【0011】

また、近年、肥満者の急増は社会現象化し、問題となっている。これらの人々は基礎代謝が低下した人が多く、また過食傾向にあると言われ、これらの人々の食べたいという欲求を如何にコントロールするかは社会的関心が非常に大きい。無理

なダイエットを試みる人も多いが、多くの場合、失敗に終わっている。消化管における栄養素認識機構を是正し、食事による満足感を如何に正常に得るかは、これらの人にとっても非常に重要である。

【0012】

本発明は、上記観点からなされたものであり、消化管グルタミン酸センサーの実体を明らかにし、それを利用した技術を提供することを課題とする。

【0013】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、代謝型グルタミン酸受容体（1型及び4型）の細胞内ドメインを認識する抗体を用いた免疫組織学的手法により、消化管内における受容体分布を検討した。その結果、胃内粘膜層には代謝型グルタミン酸1型受容体（GluR1）陽性細胞が存在し、小腸・大腸粘膜層には代謝型グルタミン酸4型受容体（GluR4）陽性細胞が存在することを見い出した。胃では、胃体部の粘液分泌細胞（副細胞）及びペプシノーゲン分泌細胞（主細胞）、並びに幽門部の粘液細胞がmGluR1陽性であり、小腸・大腸では粘液産生細胞（杯細胞：goblet cell）がmGluR4陽性であった。そして、小腸・大腸サンプルから新規なグルタミン酸受容体と思われるcDNAをクローニングすることに成功した。このグルタミン酸受容体は、これまで実態が不明であった、消化管グルタミン酸センサーである可能性が高く、本受容体cDNA、精製受容体及び本受容体発現細胞は、消化管グルタミン酸センサーの機能調節剤のスクリーニングに有用であると考えられる。

【0014】

本発明は、上記知見に基づいてなされたものであり、その要旨は以下のとおりである。

（1）下記性質を有するグルタミン酸受容体タンパク質：

（A）タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質と共に膜貫通ドメイン及び細胞内ドメインを有する、

（B）タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質よりも約316又は327アミノ酸残基短い細胞外ドメインを有する、

（2）ラットの小腸及び大腸において発現していることを特徴とする（1）のグル

タミン酸受容体タンパク質。

(3) 配列番号7に示すアミノ酸配列又は同アミノ酸配列においてアミノ酸番号12～584で表されるアミノ酸配列を有する(1)のグルタミン酸受容体タンパク質。

(4) 1又は複数のアミノ酸残基の置換、欠失、挿入又は付加を含み、かつ、グルタミン酸が結合することによってセカンドメッセンジャーを発生し得る(3)のグルタミン酸受容体タンパク質。

(5) (1)～(4)のいずれかのグルタミン酸受容体タンパク質をコードし、かつ、タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質を発現しないDNA。

(6) (1)～(4)のいずれかのグルタミン酸受容体タンパク質をコードするDNAを発現可能な形態で保持する細胞。

(7) (1)～(4)のいずれかのグルタミン酸受容体タンパク質をコードするDNAを発現可能な形態で保持する細胞を培地で培養し、同グルタミン酸受容体タンパク質を生成させ、前記細胞より前記グルタミン酸受容体タンパク質を採取することを特徴とする、グルタミン酸受容体タンパク質の製造法。

(8) (1)～(4)のいずれか一項に記載のグルタミン酸受容体タンパク質と同タンパク質に結合する物質とを被検物質の存在下で反応させ、該反応の阻害又は促進を検出することを特徴とする、グルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターの探索方法。

(9) (1)～(4)のいずれかのグルタミン酸受容体タンパク質と被検物質とを反応させ、該反応を検出することを特徴とする、グルタミン酸のアゴニストの探索方法。

(10) 前記グルタミン酸受容体タンパク質を、(6)の細胞又は同細胞から調製される膜画分を用いる(8)の方法。

(11) 前記結合の阻害又は促進を、グルタミン酸受容体タンパク質が発生するセカンドメッセンジャーにより検出する(10)の方法。

(12) 前記グルタミン酸受容体タンパク質を、(6)の細胞又は同細胞から調製される膜画分を用いる(9)の方法。

(13) 前記結合の阻害又は促進を、グルタミン酸受容体タンパク質が発生する

セカンドメッセンジャーにより検出する(12)の方法。

(14) (1)～(4)のいずれかのグルタミン酸受容体タンパク質に特異的に結合する抗体。

(15) (1)～(4)のいずれかのグルタミン酸受容体タンパク質と同タンパク質に結合する物質とを被検物質の存在下で反応させ、該反応の阻害又は促進を検出することにより、グルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターを探索する工程と、

前記ステップにより得られるグルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターを有効成分として医薬組成物を調製する工程を含む、

グルタミン酸受容体にグルタミン酸が結合することにより発生するセカンドメッセンジャーを調節するための医薬の製造方法。

(16) (1)～(4)のいずれかのグルタミン酸受容体タンパク質と被検物質とを反応させ、該反応を検出することにより、グルタミン酸のアゴニストを探索する工程と、

前記ステップにより得られるグルタミン酸のアゴニストを有効成分として医薬組成物を調製する工程を含む、

グルタミン酸受容体にグルタミン酸が結合することにより発生するセカンドメッセンジャーを調節するための医薬の製造方法。

【0015】

【発明の実施の形態】

以下、本発明を詳細に説明する。

本発明のグルタミン酸受容体タンパク質は、典型的には、配列表の配列番号7のアミノ酸配列においてアミノ酸番号12～584で表されるアミノ酸配列を有するタンパク質である。本タンパク質をコードするラットcDNAの塩基配列のオープンリーディング領域を配列番号6に示す。この配列の5'末端領域には、開始コドンの可能性のあるメチオニンコドンが2個（塩基番号1～3、34～36）見出された。N末端側のメチオニンコドンが開始コドンである可能性が高いが、2番目のメチオニンコドンが開始コドンである可能性もある。いずれにして

も、配列番号6に示す塩基配列の上流に適当なプロモーターを連結し、適当な細胞で発現させれば、活性のあるグルタミン酸受容体を産生させることができる。

【0016】

配列番号7のアミノ酸配列を、脳型代謝型グルタミン酸4型受容体(mGluR4)と比較したところ、C末端側(配列番号7中、アミノ酸番号15～584)は一致していたが、mGluR4に比べてN末端側は300アミノ酸残基以上短かった。後述するように、本発明のグルタミン酸受容体タンパク質は、mGluR4と共通の遺伝子に由来するスプライシング変異体(variant)であると考えられた。以下、本発明のグルタミン酸受容体タンパク質を、本明細書ではmGluR4変異体と呼ぶことがある。

【0017】

図1に、mGluR4及びmGluR4変異体の構造を示す。mGluR4は、細胞内ドメインと、7つの膜貫通ドメインと、細胞外ドメインからなっている。mGluR4変異体も、mGluR4と細胞内ドメインと7つの膜貫通ドメインを有しており、mGluR4のそれらと同一の配列を有している。一方、細胞外ドメインは、mGluR4変異体は1番目のメチオニンコドンが開始コドンであるとすると316アミノ酸残基、2番目のメチオニンコドンが開始コドンであるとすると327アミノ酸残基、mGluR4よりも短い。

【0018】

すなわち、本発明のmGluR4変異体は、タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質と共通の膜貫通ドメイン及び細胞内ドメインを有し、タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質よりも約316又は327アミノ酸残基短い細胞外ドメインを有する。

【0019】

前記mGluR4変異体をコードするcDNA配列を、mGluR4 mRNA配列(O'Hara, et al., *Neuron*, 11: 41, 1993)と比較したところ、これらは共通の遺伝子に由来することが示唆された。すなわち、mGluR4変異体の生成は、mGluR4遺伝子中の第2のエクソンが選択的スプライシング(alternative splicing)により脱落し、フレームシフトが生じるため、第1エクソン中に終止コドンが出現し、さらにその

下流に新たに開始コドンが生じた結果であると推定される。

【0020】

本発明のmGluR4変異体は、ラット由来のものでもよいし、グルタミン酸が結合することによってセカンドメッセンジャーを発生し得るという性質を持つ限り、ヒト、サル、マウス、イヌ、ウシ、ウサギといった哺乳類や鳥類、魚類その他のいかななる動物由来のmGluR4変異体でもよい。mGluR4変異体を医薬組成物の成分として用いる場合には、哺乳類由来のものが好ましい。

【0021】

本発明のmGluR4変異体は、配列番号7に示すアミノ酸配列又は同アミノ酸配列においてアミノ酸番号12～584で表されるアミノ酸配列を有するタンパク質に加えて、グルタミン酸が結合することによってセカンドメッセンジャーを発生し得るという性質を持つ限り、配列番号7に示すアミノ酸配列において1若しくは複数の位置での1若しくは複数のアミノ酸の置換、欠失、挿入又は付加を有するものであってもよい。

【0022】

ここで、「複数」とは、アミノ酸残基のタンパク質の立体構造における位置や種類によっても異なるが、配列番号7に示すアミノ酸配列との相同性が80%以上、好ましくは90%以上となるような数が挙げられる。より具体的には、2～115個、好ましくは、2～58個、より好ましくは2～30個である。

【0023】

尚、本発明のグルタミン酸受容体は、精製又は単離された形態であってもよいが、活性を必要とする場合は、適当な細胞で発現され、同細胞の膜に局在化した形態、又は、mGluR4変異体が発現した細胞から調製される膜画分に含まれる形態であることが好ましい。したがって、本発明のグルタミン酸受容体には、このようなmGluR4変異体を発現している細胞又は同細胞から調製された膜画分も含まれる。

【0024】

mGluR4変異体は、例えば、mGluR4変異体をコードするDNAを適当な宿主細胞に導入し、発現させることによって取得することができる。前記DNAとしては

、マウス等の哺乳類細胞の染色体から単離したmGluR4変異体をコードする遺伝子又はcDNAが挙げられる。尚、染色体遺伝子を用いる場合は、mGluR4変異体を生成させるように、転写後のスプライシング等のプロセスを調節する必要があると考えられるため、cDNAを用いることが好ましい。

【0025】

mGluR4変異体cDNAは、ラット等の哺乳動物の小腸又は大腸から調製したRNAを錆型とし、例えば配列番号1～5に示すオリゴヌクレオチドをプライマーとして用い、mGluR4変異体cDNAを増幅することによって、クローニングすることができる。また、本発明により、mGluR4変異体の構造、特にN末端領域の特徴的な構造が明らかになったので、それらの構造に基づいて、mGluR4変異体cDNAのクローニング及び同定は容易に行うことができる。こうして得られるmGluR4変異体cDNAのオープンリーディング領域塩基配列が、配列番号6に示した配列である。

【0026】

mGluR4変異体をコードするDNAを導入する細胞としては、mGluR4変異体の活性を必要とする場合は、動物細胞、昆虫細胞又は酵母が好ましく、動物細胞が特に好ましい。例えば、mGluR4変異体をコードするDNAを含む組換えベクターを導入し、一時的な機能発現が可能と考えられる細胞として、アフリカツメガエル卵母細胞、チャイニーズハムスター卵巣細胞(CHO)、baby hamster kidney(BHK)細胞、human embryonic kidney(HEK)細胞、Sf-9 insect細胞、PC12細胞、COC A-2細胞等が挙げられる。また、mGluR4変異体をコードするDNAを染色体DNAに組み込み、mGluR4変異体を永久的に発現させる場合には、上記の細胞のうち、アフリカツメガエル卵母細胞以外の細胞が挙げられる。

【0027】

一方、mGluR4変異体を、mGluR4変異体に特異的に結合する抗体を作製するための免疫源として用いる場合のように、生理活性を必要としない場合には、mGluR4変異体をコードするDNAを導入する細胞は、mGluR4変異体を活性のある形態で発現しない細胞であってもよい。そのような細胞としては、エシェリヒア・コリをはじめとする異種蛋白質生産に通常用いられている微生物細胞を用いることができる。

【0028】

mGluR4変異体を宿主細胞中で產生させるためには、宿主細胞に適したプロモーターおよびエンハンサー等の発現調節配列に、mGluR4変異体をコードするDNAを連結する。また、mGluR4変異体をコードするDNAは、必要に応じて、プロセシング情報部位、例えばリボソーム結合部位、RNAスプライス部位、ポリアデニル化部位、および転写ターミネーター配列を含んでいてもよい。好ましい発現制御配列は、免疫グロブリン遺伝子、SV40、アデノウイルス、ウシパピローマウイルス、サイトメガロウイルス等に由来するプロモーターである。

【0029】

細胞へのDNAの導入等の操作に必要な技術は、Sambrook, J., Fritsch, E. F., and Maniatis, T., "Molecular Cloning A Laboratory Manual, Second Edition", Cold Spring Harbor Laboratory Press, (1989)等に記載されている。

【0030】

上記のようにして得られるmGluR4変異体をコードするDNAを発現可能な形態で保持する細胞を培地で培養し、mGluR4変異体を生成させることにより、mGluR4変異体及びmGluR4変異体を保持する細胞を製造することができる。

【0031】

活性なmGluR4変異体、すなわちグルタミン酸が結合することによってセカンドメッセンジャーを発生し得るmGluR4変異体は、グルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターの探索等に利用することができる。例えば、mGluR4変異体と、mGluR4変異体に結合する物質とを被検物質の存在下で反応させ、該反応の阻害又は促進を検出することにより、グルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーター（以下、これらを「リガンド」と総称することがある）を探索することができる。アロステリックモジュレーターは、mGluR4変異体とグルタミン酸との結合部位以外の部位に結合し、アゴニスト又はアンタゴニストと同様の機能を示す。

また、グルタミン酸のアゴニストは、mGluR4変異体と被検物質とを反応させ、該反応を検出することによっても、探索することができる。

【0032】

活性なmGluR4変異体としては、mGluR4変異体を発現している細胞、又は同細胞から調製される膜画分が挙げられる。このような膜画分は、例えば、上記のように細胞に活性なmGluR4変異体を発現させ、そして、細胞を超音波などで破碎後、密度勾配遠心法で膜分画を集めることにより調製することができる。

【0033】

また、前記mGluR4変異体に結合する物質として、グルタミン酸もしくはグルタミン酸アゴニスト、又はmGluR4に結合する公知のリガンド（L-AP4、CPPG、MAP-4等）等が挙げられる。mGluR4変異体の活性を調節する物質としては、細胞内カルシウム濃度に影響を与える薬剤（カルシウムチャネルおよびナトリウムチャネルオーブナー、Na/Kポンプ阻害剤、Na/Ca交換系作用剤、Ca-ATPase阻害剤、プロテインキナーゼC作用剤）、細胞内cAMP濃度に影響を与える薬剤（ fosfodiesterase作用剤、アデニレートシクラーゼ作用剤）、細胞内cGMP濃度に影響を与える薬剤（cGMP依存性fosfodiesterase作用剤、グアニレートシクラーゼ作用剤）等が挙げられる。

【0034】

mGluR4変異体と、これに結合する物質との反応の阻害又は促進は、mGluR4変異体にグルタミン酸等のリガンドが結合することによって発生するセカンドメッセンジャーを検出することによって、検出することができる。また、セカンドメッセンジャーを検出する代わりに、既知のリガンドを標識したものを用い、標識リガンドとmGluR4変異体との結合を測定することによっても、前記反応の阻害又は促進を検出することができる。

また、mGluR4変異体とグルタミン酸のアゴニストとの反応は、mGluR4変異体とグルタミン酸のアゴニストとの結合により発生するセカンドメッセンジャーを検出することによって、検出することができる。

【0035】

mGluR4変異体は、細胞内ドメインは脳型及び味蕾型mGluR4と同一であり、脳型及び味蕾型mGluR4の細胞内シグナル伝達機序は同じであるから、mGluR4変異体も同様であると予想される。したがって、前記セカンドメッセンジャーは、Gi (inhibitory GTP binding protein) を活性化しアデニレートシクラーゼを抑制する

ことに伴う、細胞内cAMP産生の抑制である。また、シグナル伝達におけるcAMPの下流には、cAMP-responsive element調節を介した遺伝子発現調節によるものと、細胞質・膜蛋白の磷酸化による急性期の機能調節がある。したがって、cAMPの細胞内蓄積量変化の計測、細胞内Ca-ATPase活性調節を介する細胞内カルシウム濃度変化の測定、チャンネル機能変化の測定等によって、セカンドメッセンジャーを検出することができる。

以下に、mGluR4変異体を用いたリガンド探索の具体的な方法を例示する。

【0036】

(1) アフリカツメガエル卵母細胞に、mGluR4変異体cRNAと、CFTR (cystic fibrosis transmembrane conductance regulator) cRNAを共発現させ、2電極ボルテージクランプ法により、CFTRに由来するクロライド電流の増強或いは減弱を指標に、mGluR4変異体に作用するリガンド検索を行う (Uezono et al., Receptors Channels 1993;1(3):233-41 ; Cunningham SA et al., Am. J. Physiol 1992 Mar;262(3 Pt 1):C783-8)。尚、CFTRは囊胞性肺纖維症の疾患原因遺伝子産物であり、細胞内のcAMPにより活性が調節されるクロライドチャンネルである。

【0037】

(2) mGluR4変異体発現細胞とリガンド候補化合物とを一定期間共存させた後、発現細胞の細胞内cAMP量を用いて計測し、cAMPの増加または減少によりリガンド検索を行う (Chaudhari N, Nat Neurosci 2000 Feb;3(2):113-9; Flor PJ, Neuropharmacology 1995 Feb;34(2):149-55)。cAMP量は、市販のアッセイキットを用いて測定することができる。

【0038】

(3) mGluR4変異体発現細胞又は同細胞から調製した膜画分に、リガンド候補化合物、及びmGluR4に作用する既知のリガンド（例えばグルタミン酸、L-AP4、CPP G、MAP-4等）を一定期間作用させ、mGluR4変異体発現細胞の細胞膜又は膜画分に結合した既知リガンドの量を測定することにより、リガンド検索を行う (Naples MA, Neuropharmacology 2001;40(2):170-7; Thomsen C, Neuropharmacology 1997 Jan;36(1):21-30; H. I. Yamamura, S. J. Enna and M. J. Kuhar eds, 1958, Neurotransmitter Receptor Binding, 2nd ed., Raven Press, New York)

k）。既知リガンドの量は、それらの物質の一部を放射活性ラベルし、細胞膜又は膜画分に結合する放射活性の量により、測定することができる。

【0039】

(4) mGluR4変異体発現細胞に、あらかじめカルシウム感受性色素（例えばFura-2、Indo-1、Fluo-3等）を導入し、リガンド候補化合物とmGluR4変異体発現細胞を一定期間接触させたときの蛍光強度比（細胞内カルシウム濃度）変化を指標として、リガンド検索を行う。あるいは、mGluR4変異体アゴニストと、リガンド候補化合物と、カルシウム感受性色素を導入したmGluR4変異体発現細胞とを一定期間接触させたときの蛍光強度比（細胞内カルシウム濃度）変化により、リガンド検索を行う。

【0040】

(5) mGluR4変異体発現細胞に、あらかじめcAMP感受性蛍光蛋白質（例えばF1CR-hR等）を導入し、リガンド候補化合物とmGluR4変異体発現細胞を一定期間接触させたときの蛍光強度比（細胞内cAMP濃度）変化を指標として、リガンド検索を行う（Adams SR, Nature 1991 Feb 21;349(6311):694-7）。

【0041】

(6) リガンド候補化合物とmGluR4変異体発現細胞を一定期間接触させたとき、あるいは、mGluR4変異体作動薬とリガンド候補化合物とmGluR4変異体発現細胞を一定期間接触させたときのプロトン産生量をサイトセンサーにより測定し、プロトン産生量を指標としてリガンド検索を行う（McConnell HM, Science 1992 Sep 25;257(5078):1906-12）。

【0042】

上記のようにして検索されるグルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターを有効成分として含む医薬組成物は、グルタミン酸受容体にグルタミン酸が結合することにより発生するセカンドメッセンジャーを調節するための医薬として使用することができる。セカンドメッセンジャーを調節することによって、グルタミン酸受容体異常に起因する疾患、病態を改善、予防することができる。

【0043】

グルタミン酸受容体異常に起因する迷走神経制御異常としては、求心路異常（栄養素認識障害）と遠心路異常がある。求心路異常に起因する疾患又は病態としては、過食症、拒食症及び肥満症等が挙げられる。また、遠心路異常に起因するものとしては、胃酸分泌異常、消化管血流異常、消化酵素分泌異常等による消化性潰瘍（胃潰瘍、十二指腸潰瘍）、ストレス性潰瘍、薬物性（NSAIDs等）急性潰瘍、虚血性潰瘍（虚血性大腸炎）、インシュリン分泌異常又は消化管ホルモン分泌異常による糖尿病、過食症、拒食症、肥満症、及び、運動性機能異常による胃もたれ、むかつき、便秘、下痢、過敏性腸症候群などが挙げられる。

【0044】

mGluR4変異体を免疫源として用いることにより、mGluR4変異体に特異的に結合する抗体を作製することができる。特に、mGluR4変異体はN末端が新規なアミノ酸配列を有しているので、この部分をエピトープとする抗体、特にモノクローナル抗体は、mGluR4変異体に結合し、他のグルタミン酸受容体には結合しないと予想される。mGluR4変異体に特異的な抗体は、mGluR4変異体特異的な免疫染色等に用いることができる。

【0045】

【実施例】

以下、本発明を実施例によりさらに具体的に説明する。

【0046】

【実施例1】 ラット腸組織からの新規な代謝型グルタミン酸受容体cDNAのクローニング

ウィスター(Wistar)ラット(CRJ)の小腸及び大腸試料由来の全RNAを鋳型として、superscript(Gibco-BRL社)及びSMART (Switching Mechanism at 5' end of RNA Transcript) RACE (rapid amplification of cDNA ends) cDNA amplification kit (Clontech社)を用いて逆転写を行った。得られたcDNAを鋳型として、LA taq (TaKaRa)を用いた5'-RACE及びそれに続くnested PCRによって、ラットmGluR4の5'末端フラグメントを増幅した。

【0047】

遺伝子特異的プライマー (R-mGluR4: 5'-GAA GTT GAC GTT CCT GAT GTA CT-3'

(配列番号1) , R2-mGluR4: 5'-ACA GCG TCA ATC ACG AAC TGC AC-3' (配列番号2)) は、脳型mRNA配列 (O'Hara, et al., Neuron, 11:41, 1993) に基づいて合成した。

【0048】

SMART-RACE kitからのプライマー (Universal primer mix: Long 5'-CTA ATA CGA CTC ACT ATA GGG CAA GCA GTG GTA ACA ACG CAG AGT-3' (配列番号3) , Short 5'-CTA ATA CGA CTC ACT ATA GGG C-3' (配列番号4) , 及びNested universal primer: 5'-AAG CAG TGG TAA CAA CGC AGA GT-3' (配列番号5)) は、5'-RACE PCRを行うために用いた。

【0049】

約30ngのラットcDNAを、遺伝子特異的プライマーR-mGluR4及びUniversal primer mixを用いて、10μlの10×LA PCR buffer, 2.5 mM MgCl₂, 2.5 mM dNTP mixt ure及び0.25 unitsのLa Taq酵素中で、増幅した。

【0050】

PCRは、GeneAmp PCR system 9700を用いて、94°C 20秒、50°C 1分、及び68°C 3分を40サイクル行った後、68°C10分の伸長を行った。

得られた反応産物は、R2-mGluR4及びNested universal primerを用いて、上記と同じ条件で再度増幅し、300bpの断片が得られた。

【0051】

増幅産物は、アガロース電気泳動によって分離し、TA cloning kit (Invitrogen社)を用いて、二重プロモーター (Dual Promoter) を持つpCR-II vectorにクローニングした。

【0052】

上記フラグメントについて、ABI Sequencer Model 3700 (ABI社) を用いて塩基配列を解析したところ、大腸から010411-70及び010411-66、010528-3、小腸から010528-37と名付けられたクローンが同定された。これらは同一の塩基配列を含んでいた。

【0053】

上記各クローンから決定された塩基配列を、配列番号6に示す。また、この塩

基配列に含まれるオープンリーディングフレームによってコードされるアミノ酸配列を配列番号7に示す。この塩基配列を脳のmGluR4 mRNA配列 (O'Hara, et al., Neuron, 11: 41, 1993) と比較したところ、配列番号6の塩基配列では、1724位のシトシンは1880位のアデニンに直接結合しており（塩基の位置は、mGluR4 mRNAを基準とする）、155bpのフラグメントが抜け落ちていた。1724位のシトシンの上流領域におけるフレームシフトにより、1684位又は1717位から始まる開始コドンによりコードされるメチオニンをN末端とする新規なペプチド（配列番号8）が翻訳され、このペプチドはグルタミン酸受容体の細胞外ドメインに位置する343位のグリシンに結合すると考えられた。残りの配列は、脳型受容体と同一の配列であった。尚、配列番号6及び配列番号7には、1684位から始まるコドンを開始コドンとして示した。2つのメチオニンコドンのいずれが開始コドンであるかは不明であるが、いずれにしても、オープンリーディングフレームと周辺配列を細胞に導入して発現させれば、生体中で発現している発現産物と同じ発現産物が得られると予想される。

【0054】

上記オープンリーディングフレームがコードするタンパク質は、配列番号7に示すアミノ酸配列の1番目のメチオニンがN末端であるとした場合、分子量は約88kDである。N末端の14アミノ酸は、mGluR4 mRNAによりコードされるアミノ酸配列には存在しない配列である。

【0055】

以上のことから、得られたクローンは、新規な細胞外ドメインを有するmGluR4のスプライシング変異体（variant）であることが示された。

【0056】

【実施例2】免疫染色手法によるグルタミン酸受容体局在の同定

<1>ラット小腸及び大腸の切片標本の作製

ラット（Wistar系、雄、10～15週齢）をエーテル麻酔下で心臓右心耳を切開して放血し、その後すぐ小腸および大腸を採材した。小腸は胃幽門より約5センチの部分、大腸は回盲開口部より約7センチ肛門側の部分を採材した。消化物が大量に腸内に残っている場合は、生理食塩水で腸管を洗浄した。

【0057】

切り出した腸管は切り開き、コルクボードに針で貼り付け、4%パラホルムアルデヒド (4°C) で一昼夜振蕩し、浸漬固定した。その後20% Sucrose-PBSに3~4日浸漬して凍結保護 (Cryoprotection) した後、Tissue-Tek^R (OCT compound) に包埋し、クリオスタットで5-7 μmに薄切した。切片は室温にて乾燥させた後、各種染色に用いるまで4°Cで保存した。

【0058】**<2>抗代謝型グルタミン酸受容体抗体による免疫染色**

切片の免疫染色は、Drengk, A.C. et al., J. Auto. Nerv. Sys. 78: 109-112, 2000、及びMiampamba, M. et al., J. Auto. Nerv. Sys. 77: 140-151, 1999に記載の方法に準じて行った。切片はまずPBSで洗浄した後、内因性ペルオキシダーゼによる反応を阻止するために、3%過酸化水素・メタノールで15分処理した。次に、切片をPBSで洗浄した後、10%正常馬血清を含む1%牛血清アルブミン添加PBS (1% BSA-PBS) を用いて1時間ブロッキングを行った。再びPBSで洗った後、1%正常馬血清を含む1% BSA-PBSで希釈した一次抗体 (表1) を4°Cで2晩反応させた。その後、切片をPBSで洗浄し、1% BSA-PBSで希釈した2次抗体 (表1) を室温で1時間反応を行った。最後にVectorstain elite kit (Vector) を用いてABC (アビジン-ビオチン複合体) 反応を行い、0.025%ジアミノベンチジン-0.25%塩化ニッケル-0.01% H₂O₂で発色させた。反応終了後、切片をPBSで洗い、エタノール・キシレンで脱水、封入の後、顕微鏡にて観察した。一次抗体を用いないものをネガティブコントロールとした。使用した一次抗体、二次抗体の種類及び希釈倍率を、表1に示す。

【0059】

【表1】

表1

一次抗体	一次 抗体 希釈 倍率	二次抗体	一次 抗体 希釈 倍率
anti-mGluR1a, rabbit, polyclonal, Chemicon, cat# AB1551	100	Biotinylated anti-rabbit Ig, Amersham Pharmacia Biotech, cat# RPN 1004	150
anti-mGluR2/3, rabbit, polyclonal. Chemicon, cat# AB1553	100	Biotinylated anti-rabbit Ig, Amersham Pharmacia Biotech, cat# RPN 1004	150
anti-mGluR4a, rabbit, Upstate Biotechnology, cat# 06-765	400	Biotinylated anti-rabbit Ig, Amersham Pharmacia Biotech, cat# RPN 1004	150
anti-mGluR5, rabbit, polyclonal, Chemicon, cat# AB5323	400	Biotinylated anti-rabbit Ig, Amersham Pharmacia Biotech, cat# RPN 1004	150

【0060】

<3>アルシアンブルー・PAS染色

切片は流水で洗い、3%酢酸に親和させた後に、アルシアンブルー液 (pH2.5、和光) で30~40分反応させた。次に流水で洗浄し、1%過ヨウ素酸溶液に10分間浸した後、シッフ試薬 (Schiff's Reagent) (和光) で8~10分ほど反応させた。これによりムチンを染色し、腸管の杯細胞 (goblet cell) を同定した。切片を再び流水で洗浄した後、最後にマイヤーのヘマトキシリン (Mayer's hematoxylin) (和光) で核染色し、色出しした後に、脱水・封入を行った。

【0061】

<4>結果

免疫染色の結果を図2に示す。小腸（図2A）および大腸（図2B）では抗mGluR4により杯細胞が染色された。杯細胞には、mGluR4受容体は発現していないと一般的に考えられている。したがって、mGluR4変異体は、杯細胞に発現していると考えられ、機能的には粘液分泌との関連が示唆された。

尚、上記と同様にして胃の切片標本の免疫染色を行ったところ、抗mGluR1抗体により、胃体部主細胞および副細胞、幽門部粘液分泌細胞が染色された。

【0062】

【実施例3】新規mGluR4変異体の機能の推定

ラット（Wistar系、雄、8~10週齢：日本チャールズリバー）を18時間絶食後、ウレタン麻酔（1g/kg, i.p.）下に開腹し、実態顕微鏡下で迷走神経胃枝および腹腔枝を5mm前後剥離した。迷走神経束を切断後、小型オペ台（8×6mm）上に迷走神経束をのせて、周囲の脂肪及び結合組織を注意深く剥離し、その臓器側末端纖維を記録用のプラチナ製双極電極に載せ、流動パラフィン・ワセリン（1:1）混合液で周囲組織と絶縁した。また、MSG（L-グルタミン酸ナトリウム、味の素株式会社製）の投与ルートとして、経口で胃内および十二指腸起始部にシリコンチューブを留置した。

【0063】

神経活動電位は、微小電位増幅器（WPI社製DAM-80）により10000倍に増幅し、ベッセルフィルター（4-pole, High Cut 10Hz, Low Cut 1KHz）によりノイズを低減させた後、A/D変換（Powerlab 4sp, ADI Instruments社製）後、コンピュータに取り込んだ（sampling rate 3KHz, iBook）。同時に、増幅信号をオシロスコープでモニタしながらウィンドー・ディスクリミネータ（ダイヤメディカル社製DSE-435）によりノイズ成分と神経信号成分を分離し、スパイックカウンタ（Spike Counter、ダイヤメディカル社製DSE-335P）で5秒積算後、チャートレコーダ（日本光電製WT-465G）で記録した。スパイク波形の解析は、SHEソフトウェア（ADI Instruments社製）を用いた。

【0064】

結果を図3に示す。胃内および十二指腸内にMSG 150mMを投与した時の迷走神経胃枝（図3A）および腹腔枝（図3B）の求心活動は亢進した。迷走神経求心

路は内臓感覚、特に、胃および腸からの栄養情報を延髄孤束核に送り込み、満足感、不快感などの食後感覚、及び迷走神経遠心路調節による消化調節を行うシグナル伝導路と考えられている。したがって、MSGの消化管内投与により迷走神経求心路活動が亢進したことは、MSGがそのシグナル発生要因であり、消化管内腔に発現しているmGluR4変異体が、そのシグナル発生を仲介している可能性を示している。

【0065】

【発明の効果】

本発明により、新規な代謝型グルタミン酸受容体が提供される。本グルタミン酸受容体は、グルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターの探索に用いることができる。また、小腸、大腸等の消化管における代謝異常による疾患、症状を改善する医薬として用いることができる。

【0066】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Ajinomoto Co., Inc.

<120> 新規グルタミン酸受容体とその利用

<130> P-9163

<140>

<141> 2001-10-23

<160> 8

<170> PatentIn Ver. 2.0

【0067】

<210> 1

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 1

gaagttgacg ttcctgatgt act

23

【0068】

<210> 2

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 2

acagcgtcaa tcacgaactg cac

23

【0069】

<210> 3

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 3

ctaatacgac tcactatagg gcaaggcagtg gtaacaacgc agagt 45
【0070】

<210> 4

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 4

ctaatacgac tcactatagg gc 22
【0071】

<210> 5

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 5

aaggcagtgg aacaacgcag agt 23
【0072】

<210> 6

<211> 1755

<212> DNA

<213> Rattus norvegicus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1755)

<400> 6

atg cca ggg gta tca tca tct ttg cca acg agg atg aca tca ggg ttc 48

Met Pro Gly Val Ser Ser Ser Leu Pro Thr Arg Met Thr Ser Gly Phe

1 5 10 15

gac cga tac ttc tcc agc cgc acg ctg gac aac aac agg cgc aac atc 96

Asp Arg Tyr Phe Ser Ser Arg Thr Leu Asp Asn Asn Arg Arg Asn Ile

20 25 30

tgg ttt gcc gag ttc tgg gag gac aac ttc cat tgc aag ttg agc cgc 144

Trp Phe Ala Glu Phe Trp Glu Asp Asn Phe His Cys Lys Leu Ser Arg

35 40 45

cac gcg ctc aag aag gga agc cac atc aag aag tgc acc aac cga gag 192

His Ala Leu Lys Lys Gly Ser His Ile Lys Lys Cys Thr Asn Arg Glu

50 55 60

cgc atc ggg cag gac tcg gcc tat gag cag gag ggg aag gtg cag ttc 240

Arg Ile Gly Gln Asp Ser Ala Tyr Glu Gln Glu Gly Lys Val Gln Phe

65 70 75 80

gtg att gac gct gtg tac gcc atg ggc cac gcg ctg cac gcc atg cac 288

Val Ile Asp Ala Val Tyr Ala Met Gly His Ala Leu His Ala Met His

85 90 95

cgt gac ctg tgt ccc ggc cgc gta gga ctc tgc cct cgc atg gac ccc 336

Arg Asp Leu Cys Pro Gly Arg Val Gly Leu Cys Pro Arg Met Asp Pro

100 105 110

gtg gat ggc acc cag ctg ctt aag tac atc agg aac gtc aac ttc tca 384

Val Asp Gly Thr Gln Leu Leu Lys Tyr Ile Arg Asn Val Asn Phe Ser
 115 120 125
 ggc att gcg ggg aac cct gta acc ttc aat gag aac gga gac gca ccg 432
 Gly Ile Ala Gly Asn Pro Val Thr Phe Asn Glu Asn Gly Asp Ala Pro
 130 135 140
 ggg cgc tac gac atc tac cag tac caa ctg cgc aat ggc tcg gcc gag 480
 Gly Arg Tyr Asp Ile Tyr Gln Tyr Gln Leu Arg Asn Gly Ser Ala Glu
 145 150 155 160
 tac aag gtc atc ggc tcg tgg aca gac cac ctg cac ctc aga ata gag 528
 Tyr Lys Val Ile Gly Ser Trp Thr Asp His Leu His Leu Arg Ile Glu
 165 170 175
 cgg atg cag tgg cca ggg agt ggc cag cag ctg ccg cgc tcc atc tgc 576
 Arg Met Gln Trp Pro Gly Ser Gly Gln Gln Leu Pro Arg Ser Ile Cys
 180 185 190
 agt ctg ccc tgc cag ccc ggg gag cga aag aag act gtg aag ggc atg 624
 Ser Leu Pro Cys Gln Pro Gly Glu Arg Lys Lys Thr Val Lys Gly Met
 195 200 205
 gct tgc tgc tgg cac tgc gag ccc tgc acc ggg tac cag tac caa gtg 672
 Ala Cys Cys Trp His Cys Glu Pro Cys Thr Gly Tyr Gln Tyr Gln Val
 210 215 220
 gac cgc tac acc tgt aag acc tgc ccc tac gac atg cgg ccc aca gag 720
 Asp Arg Tyr Thr Cys Lys Thr Cys Pro Tyr Asp Met Arg Pro Thr Glu
 225 230 235 240
 aac cgc acg agc tgc cag ccc atc ccc atc gtc aag ttg gag tgg gac 768
 Asn Arg Thr Ser Cys Gln Pro Ile Pro Ile Val Lys Leu Glu Trp Asp
 245 250 255
 tcg ccg tgg gcc gtg ctg ccc ctc ttc ctg gcc gtg gtg ggc atc gcc 816
 Ser Pro Trp Ala Val Leu Pro Leu Phe Leu Ala Val Val Gly Ile Ala
 260 265 270

gcc acg ctg ttc gtg gtg gtc acg ttt gtg cgc tac aac gat acc ccc	864		
Ala Thr Leu Phe Val Val Val Thr Phe Val Arg Tyr Asn Asp Thr Pro			
275	280	285	
atc gtc aag gcc tcg ggc cggtt gaa ctg agc tac gtg ctg ctg gcg ggc	912		
Ile Val Lys Ala Ser Gly Arg Glu Leu Ser Tyr Val Leu Leu Ala Gly			
290	295	300	
atc ttt ctg tgc tac gcc act acc ttc ctc atg atc gca gag ccg gac	960		
Ile Phe Leu Cys Tyr Ala Thr Thr Phe Leu Met Ile Ala Glu Pro Asp			
305	310	315	320
ctg ggg acc tgt tcg ctc cgccgc atc ttc cta ggg ctc ggc atg agc	1008		
Leu Gly Thr Cys Ser Leu Arg Arg Ile Phe Leu Gly Leu Gly Met Ser			
325	330	335	
atc agc tac gcg gcc ctg ctg acc aag acc aac cgc att tac cgc atc	1056		
Ile Ser Tyr Ala Ala Leu Leu Thr Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile			
340	345	350	
ttt gag cag ggc aaa cgg tcg agt gcc ccg cgt ttc atc agc ccg	1104		
Phe Glu Gln Gly Lys Arg Ser Val Ser Ala Pro Arg Phe Ile Ser Pro			
355	360	365	
gcc tcg cag ctg gcc atc acc ttc atc ctc atc tcc ctg cag ctg ctc	1152		
Ala Ser Gln Leu Ala Ile Thr Phe Ile Leu Ile Ser Leu Gln Leu Leu			
370	375	380	
ggc atc tgc gtg tgg ttc gtg gtg gac ccc tcc cac tcg gtg gtg gac	1200		
Gly Ile Cys Val Trp Phe Val Val Asp Pro Ser His Ser Val Val Asp			
385	390	395	400
ttc cag gac caa cgg aca ctt gac ccc cgccgtt gcc agg ggc gtg ctc	1248		
Phe Gln Asp Gln Arg Thr Leu Asp Pro Arg Phe Ala Arg Gly Val Leu			
405	410	415	
aag tgc gac atc tcg gac ctg tcc ctc atc tgc ctg ctg ggc tac agc	1296		
Lys Cys Asp Ile Ser Asp Leu Ser Leu Ile Cys Leu Leu Gly Tyr Ser			

420	425	430	
atg ctg ctg atg gtc acg tgt act gtg tac gcc atc aag acc cga ggc			1344
Met Leu Leu Met Val Thr Cys Thr Val Tyr Ala Ile Lys Thr Arg Gly			
435	440	445	
gtg ccc gag acc ttc aac gag gcc aag ccc atc ggc ttc acc atg tac			1392
Val Pro Glu Thr Phe Asn Glu Ala Lys Pro Ile Gly Phe Thr Met Tyr			
450	455	460	
acc acc tgc att gtc tgg ctg gcc ttc atc ccc atc ttt ttt ggc acc			1440
Thr Thr Cys Ile Val Trp Leu Ala Phe Ile Pro Ile Phe Phe Gly Thr			
465	470	475	480
tca cag tca gcc gac aag ctg tac atc cag aca acc aca ctg acg gtc			1488
Ser Gln Ser Ala Asp Lys Leu Tyr Ile Gln Thr Thr Leu Thr Val			
485	490	495	
tcc gtg agt ctg agc gct tca gtg tcc ctg ggg atg ctc tac atg ccc			1536
Ser Val Ser Leu Ser Ala Ser Val Ser Leu Gly Met Leu Tyr Met Pro			
500	505	510	
aaa gtc tac atc atc ctc ttc cac ccg gag cag aac gtg ccc aag cgc			1584
Lys Val Tyr Ile Ile Leu Phe His Pro Glu Gln Asn Val Pro Lys Arg			
515	520	525	
aag cgc agt ctc aaa gcc gtg gtc acc gcc acc atg tcc aac aag			1632
Lys Arg Ser Leu Lys Ala Val Val Thr Ala Ala Thr Met Ser Asn Lys			
530	535	540	
ttc aca cag aag ggc aac ttc agg ccc aat ggg gaa gcc aaa tca gag			1680
Phe Thr Gln Lys Gly Asn Phe Arg Pro Asn Gly Glu Ala Lys Ser Glu			
545	550	555	560
ctg tgt gag aac ctg gag acc cca gcg ctg gct acc aaa cag acc tac			1728
Leu Cys Glu Asn Leu Glu Thr Pro Ala Leu Ala Thr Lys Gln Thr Tyr			
565	570	575	
gtc acc tac acc aac cat gcc atc tag			1755

Val Thr Tyr Thr Asn His Ala Ile

580 585

【0073】

<210> 7

<211> 584

<212> PRT

<213> Rattus norvegicus

<400> 7

Met Pro Gly Val Ser Ser Ser Leu Pro Thr Arg Met Thr Ser Gly Phe

1 5 10 15

Asp Arg Tyr Phe Ser Ser Arg Thr Leu Asp Asn Asn Arg Arg Asn Ile

20 25 30

Trp Phe Ala Glu Phe Trp Glu Asp Asn Phe His Cys Lys Leu Ser Arg

35 40 45

His Ala Leu Lys Lys Gly Ser His Ile Lys Lys Cys Thr Asn Arg Glu

50 55 60

Arg Ile Gly Gln Asp Ser Ala Tyr Glu Gln Glu Gly Lys Val Gln Phe

65 70 75 80

Val Ile Asp Ala Val Tyr Ala Met Gly His Ala Leu His Ala Met His

85 90 95

Arg Asp Leu Cys Pro Gly Arg Val Gly Leu Cys Pro Arg Met Asp Pro

100 105 110

Val Asp Gly Thr Gln Leu Leu Lys Tyr Ile Arg Asn Val Asn Phe Ser

115 120 125

Gly Ile Ala Gly Asn Pro Val Thr Phe Asn Glu Asn Gly Asp Ala Pro

130 135 140

Gly Arg Tyr Asp Ile Tyr Gln Tyr Gln Leu Arg Asn Gly Ser Ala Glu

145 150 155 160

Tyr Lys Val Ile Gly Ser Trp Thr Asp His Leu His Leu Arg Ile Glu
 165 170 175
 Arg Met Gln Trp Pro Gly Ser Gly Gln Gln Leu Pro Arg Ser Ile Cys
 180 185 190
 Ser Leu Pro Cys Gln Pro Gly Glu Arg Lys Lys Thr Val Lys Gly Met
 195 200 205
 Ala Cys Cys Trp His Cys Glu Pro Cys Thr Gly Tyr Gln Tyr Gln Val
 210 215 220
 Asp Arg Tyr Thr Cys Lys Thr Cys Pro Tyr Asp Met Arg Pro Thr Glu
 225 230 235 240
 Asn Arg Thr Ser Cys Gln Pro Ile Pro Ile Val Lys Leu Glu Trp Asp
 245 250 255
 Ser Pro Trp Ala Val Leu Pro Leu Phe Leu Ala Val Val Gly Ile Ala
 260 265 270
 Ala Thr Leu Phe Val Val Val Thr Phe Val Arg Tyr Asn Asp Thr Pro
 275 280 285
 Ile Val Lys Ala Ser Gly Arg Glu Leu Ser Tyr Val Leu Leu Ala Gly
 290 295 300
 Ile Phe Leu Cys Tyr Ala Thr Thr Phe Leu Met Ile Ala Glu Pro Asp
 305 310 315 320
 Leu Gly Thr Cys Ser Leu Arg Arg Ile Phe Leu Gly Leu Gly Met Ser
 325 330 335
 Ile Ser Tyr Ala Ala Leu Leu Thr Lys Thr Asn Arg Ile Tyr Arg Ile
 340 345 350
 Phe Glu Gln Gly Lys Arg Ser Val Ser Ala Pro Arg Phe Ile Ser Pro
 355 360 365
 Ala Ser Gln Leu Ala Ile Thr Phe Ile Leu Ile Ser Leu Gln Leu Leu
 370 375 380
 Gly Ile Cys Val Trp Phe Val Val Asp Pro Ser His Ser Val Val Asp

385	390	395	400
Phe Gln Asp Gln Arg Thr Leu Asp Pro Arg Phe Ala Arg Gly Val Leu			
405	410	415	
Lys Cys Asp Ile Ser Asp Leu Ser Leu Ile Cys Leu Leu Gly Tyr Ser			
420	425	430	
Met Leu Leu Met Val Thr Cys Thr Val Tyr Ala Ile Lys Thr Arg Gly			
435	440	445	
Val Pro Glu Thr Phe Asn Glu Ala Lys Pro Ile Gly Phe Thr Met Tyr			
450	455	460	
Thr Thr Cys Ile Val Trp Leu Ala Phe Ile Pro Ile Phe Phe Gly Thr			
465	470	475	480
Ser Gln Ser Ala Asp Lys Leu Tyr Ile Gln Thr Thr Thr Leu Thr Val			
485	490	495	
Ser Val Ser Leu Ser Ala Ser Val Ser Leu Gly Met Leu Tyr Met Pro			
500	505	510	
Lys Val Tyr Ile Ile Leu Phe His Pro Glu Gln Asn Val Pro Lys Arg			
515	520	525	
Lys Arg Ser Leu Lys Ala Val Val Thr Ala Ala Thr Met Ser Asn Lys			
530	535	540	
Phe Thr Gln Lys Gly Asn Phe Arg Pro Asn Gly Glu Ala Lys Ser Glu			
545	550	555	560
Leu Cys Glu Asn Leu Glu Thr Pro Ala Leu Ala Thr Lys Gln Thr Tyr			
565	570	575	
Val Thr Tyr Thr Asn His Ala Ile			
580			

【0074】

<210> 8

<211> 14

<212> PRT

<213> *Rattus norvegicus*

<400> 8

Met Pro Gly Val Ser Ser Ser Leu Pro Thr Arg Met Thr Ser

1 5 10

【図面の簡単な説明】

【図1】 mGluR4及びmGluR4変異体の構造の概要を示す図。

【図2】 抗mGluR4抗体による免疫染色の結果を示す図。 (A) 胃体部。 (B) 幽門部。

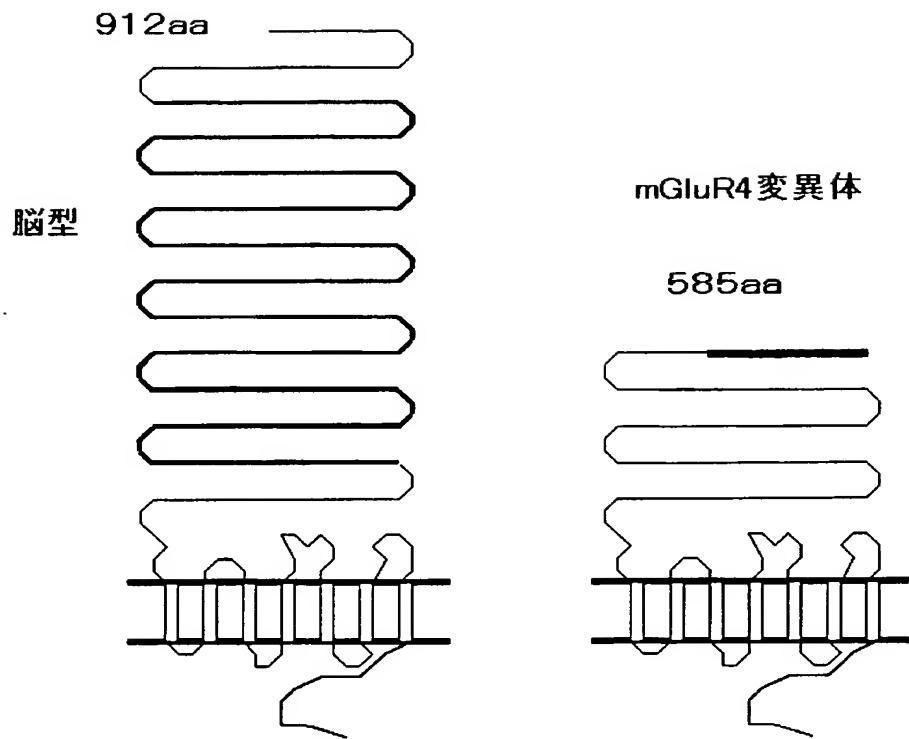
【図3】 神経活動に対するL-グルタミン酸の作用を示す図。横軸は時間。縦軸は神経活動を表す。

(A) 迷走神経胃枝求心性神経活動に対するグルタミン酸の作用を示す図。

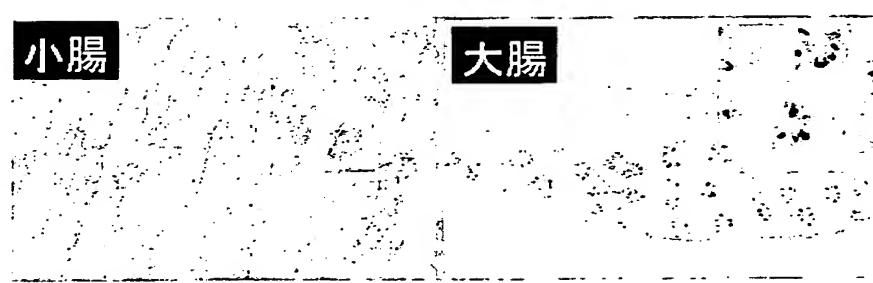
(B) 迷走神経腹腔枝求心性神経活動に対するグルタミン酸の作用を示す図

【書類名】 図面

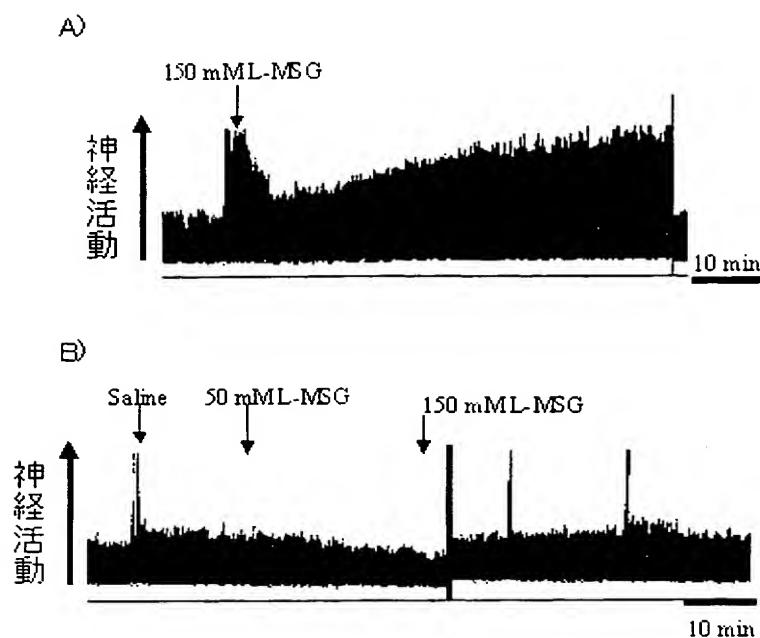
【図 1】



【図 2】



【図3】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 消化管グルタミン酸センサーの実体を明らかにし、それを利用した技術を提供する。

【解決手段】 下記性質を有するグルタミン酸受容体タンパク質とこれに結合する物質とを被検物質の存在下で反応させ、該反応の阻害又は促進を検出することにより、グルタミン酸のアゴニストもしくはアンタゴニスト又はアロステリックモジュレーターを探索する：

(A) タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質と共に膜貫通ドメイン及び細胞内ドメインを有する、

(B) タイプ4型代謝型グルタミン酸受容体タンパク質よりも約316又は327アミノ酸残基短い細胞外ドメインを有する。

【選択図】 図1

特願 2001-325159

出願人履歴情報

識別番号 [000000066]

1. 変更年月日 1991年 7月 2日

[変更理由] 住所変更

住所 東京都中央区京橋1丁目15番1号
氏名 味の素株式会社